

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

MRSYR-FSDYLHMSVFSNDMDLFCGEDSGVFSGESTVDFSSEVDSWPGD-----  
MGDAAASTSAPTPTSI-----LICLEDGSDLLADADDGAGTDLVVARDERLLVVDQDEE  
HELTASS-----LC-----  
MNAEPPLPALLMSVCLSDYDLLCGEDSSGILSGESPECSFSDIDSSPPPPSPPTTEDCY  
ARA-----GIM-DSSPECS-SDLDSSPPSEAE-----  
1 60

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

SIACFIEDERHFVPGHDYLSRFQTRSLDASAREDSVAWILKVQAYNFQPLTAYLAVNYM  
YVALLLSKESASGGG-GPVEEMEDWM--KAARSGCVRWIIKTTAMFRFGGKTAYVAVNYL  
-----WL--Q-----TNAGFRFSLKTAYVAVTYL  
SIASFIEHERNFVPGFEYLSRFQSRSLDANAREESVWILKVHAYYGFQPLTAYLAVNYM  
SIAGFMEDEERNFVPGFEYLNRFQSRSLDASAREESVAWILKVQAYYAFQPV TAYLSVNYL  
61 120

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

DRFLYARRLP-ETSGWPMQLLAVACL SLAAKMEELVPSLDFQVAGVKYLFEAKTIKRM  
DRFLAQRNVNRE-HAWGLQLLMVACMSLATKLEHHAPRLSEFPDLDAACEFAFDSASILRM  
DRFLARRCVD RD--KEWALQLLSVACL SLAAKVEERRPPRLPEFKLDM---YDCASLMRM  
DRFLDSRRLP-ETNGWPLQLVSVACL SLAAKMEEP LVP SLDDLQIEGAKYIFEPR TIRRM  
DRFLNSRPLPPKTNGWPLQLLSVACL SLAAKMEESLVP SLDDLQIEGAKYVFEPKTIRRM  
121 180

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

ELLVLSVLDWRLRSVTPPFD FISFFAYKIDPSGTFLGFFISHATEIILSNIKEASFLEYWP  
ELLVLGTLEWRMIAVTPFPYISYFAARFRETSA--GRILMRAVECVFAAIKVISSVEXRP  
ELLVLTTLKWQMITETPFSYLNCF TAKFRHDER--KAIVLRAIECIFASIKVISSVGYP  
ELLVLGVLDWRLRSVTPPLCFLAFFACKVDSTGT FIRFLISRATEIIVSNIQEASFLAYWP  
ELLVLGVLDWRLRSVTPPFSFLDFFACKLDSTGTGTGFLISRATQIILSNIQEASFLAYWP  
181 240

Fig. 2A



SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

SSIAAAAILCVANELPSLVNPHESPETWCDGLSKEKIVRCYRLMKAMAIENNRLNTP  
STIAVASIL-----  
STIALAAIL-----IARNKETAP  
SCIAAAAILTAANEIPNWS-VVKP-ENAESWCEGLRKEKIVIGCYQLMQELVINNNQRKLP  
SCIAAAAILHAANEIPNWS-LVRP-EHAESWCEGLRKEKIVIGCYQLMQELVIDNNQRKPP  
241 300

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

--KVI AKLRVSVRA-----SSTLTRPSDESSP--CKRRKLSGYSWVGDETSTSN  
-----  
NLDEL SVHRLAPWQLMM-----L  
LLKVL PQLRVTTTRMRSSTVSSF--SSSSSTSFSLCKRRKLNRLWDD-KGNSE  
--KVL PQLRVTTISRPIMRSSVSSFLASSSPSSSSLS CRRRKLNNSLWVDDDKGNSQ  
301 357

Fig. 2B



SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

MAADNIYDFVASNLLCTETKS--LCFDDVDSLTISQQNIETKSKDLSFNNGIRSEPLIDL  
MAP-SCYDAAASMLLCAEEHSSILWYEE-----EEEELEAVGRRSRSPGYGDDFGADL  
-----  
1 60

SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

-PSLSEECLSFMVQREMEFLPKDDYVERLRSGDLDL-SVRKEALDWILKAHMHYGFGEELS  
FPQSEECVAGLVERERDHPGCPYGDRLRGGGCL-CVRREAVDWIWKAYTHHRFRPLT  
-----HILRATRGCPRPVRRD-----HPSSDLT  
61 120

SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

FCLSYLDLDRFLSLYELPRSKTWTVQLLAVACLSLAAKMEEINVPLTVDLQ-VGDPKFVF  
AYLAVNYLDRFLSLSEVPDCKDWMTQLLAVACVSLAAKMEETAVPQCCLDLQEVGDARYVF  
ASTKMXF-----EANSAF  
121 180

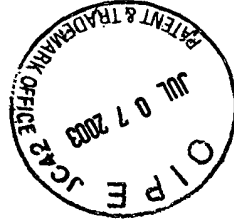
SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

EGKTIQRMELLVLSTLKWRMQAYTPYTFIDYFMRKMN--GDQIPSRPLISGSMQLILSII  
EAKTVQRMELLVLTTLNWRMHAVTPFSYVDYFLNKLNNGGSTAPRSCWLLQSAELILRAA  
EARTIKVMELLVFSTLKWRMQAVTACSFIDYFLCKFND--HDTPSMLAFSCSTDILILSTT  
181 240

SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

RSIDFLEFRSSEIAASVAMSVSGEIQAKDIDKAMP-CFFIHLDKGRVQKCVELIQDLTTA  
RGTGCVGFRPSEIAAAVAAAAGDVDDADGVENAC-C--AHVDKERVLRQCQEAI GSMASS  
KXADFLVFRHSEIAGSVALPSFGEHKTSVVEMATTNCKYIN---KGVXCD-----  
241 300

FIG. 3A



SEQ ID NO:31	TITTTAAASL-----VPQSPIGVLEAAACLSYKSGDERTV-----	
SEQ ID NO:18	AAIDDATVPPKSARRRSSPVPVPQSPVGVLDAAAPCLSYRSEEAATATATATSAASHGAPG	
SEQ ID NO:22	-----RKDPDEVLPW-----NAYLKF-----	360

301

SEQ ID NO:31	---GSCTTSSHTKRRKL-----DTSSLEHGTSEKL	
SEQ ID NO:18	SSSSSTSPVTSKRRKLASRCDSGSCSDRSKRAPAQWTKE	
SEQ ID NO:22	-----GLRDML	399

361

FIG. 3B

